

Matthias Labrenz¹, Klaus Peissl¹, Paul A. Lawson², Rainer Söller³ und Peter Hirsch¹

¹ Institut für Allgemeine Mikrobiologie, Christian-Albrechts-Universität Kiel

² Department of Food Science and Technology, Univ. of Reading, Reading RG6 6AP, UK

³ FB2-UFT, Abteilung Biotechnologie & Molekulare Genetik, Leobener Str., Universität Bremen, D-28359 Bremen

Zur Kontamination antarktischer Böden der Vestfold Hills mit potentiell anthropogenen Bakterien: Versuche zur Identifizierung von 60 Reinkulturen

Untersuchungen über die Bakteriologie antarktischer Böden führten bereits BOYD & BOYD (1963) durch. Sie kamen zu dem Schluss, dass ihre zahlreichen Bakterienisolate anthropogener Herkunft waren. HOROWITZ et al. (1972) hielten dagegen kontinental-antarktische Böden im wesentlichen für steril. Jedoch deuteten Untersuchungen durch LINE (1988) oder BÖLTER (1992) darauf hin, dass es in antarktischen Böden auch endemische, also an lokale Bedingungen angepasste Bakterien gab.

Unserer Kieler Arbeitsgruppe gelang es 1984 – 1986, einige hundert Boden-bakterien aus dem Bereich der McMurdo Dry Valleys zu isolieren und diese zum Teil auch zu bestimmen (DAWID et al., 1988; GALLI-KOWSKI & HIRSCH, 1988; SIEBERT & HIRSCH, 1988). Bisher unbekannte, neue Gattungen konnten so beschrieben werden, wie *Hymenobacter* (HIRSCH et al., 1998) oder *Modestobacter* (MEVS et al., 2000). Auch deren Existenz als neue Gattungen konnte ein Hinweis sein auf eine natürliche, antarktisch-endemische Bodenmikroflora. Weiterhin wurde der Nachweis erbracht, dass in 1600 m Höhe des Transantarktischen Gebirges für ein Jahr im Boden exponierte Glasobjektträger von Bakterien bewachsen waren, die sich in dieser Zeit mindestens dreimal geteilt hatten (HIRSCH & GALLIKOWSKI, unveröffentlicht).

In den Jahren 1989 – 1994 konnten wir 32 Bodenproben von der australischen Station Davis und den nahe liegenden Vestfold Hills Wilkesland mikrobiologisch untersuchen. Über diese Arbeiten wurde bereits berichtet (HIRSCH & PEISSEL, 1994). Aufgrund der Gesamt- und Lebendzellzahlen auf 14 verschiedenen Nährböden nach Kultur bei 9° bzw. 30 °C waren die Böden in fünf Gruppen mit zunehmend anthropogener Kontamination eingeteilt worden: vermutlich nicht kontaminiert waren sieben Proben aus der Nähe des polaren Eisplateaus (Lebendzellzahlen 10^1 – 10^3 g⁻¹ Boden), während die stärkste Kontamination bei fünf Proben aus Davis gefunden wurde (10^5 – 10^8). Zum Vergleich wurden auch zwei Bodenproben aus einem Adelie-Pinguin-Brutplatz

untersucht. Ferner liess die im Boden *in situ* nachweisbare Ausscheidung hydrolytischer Enzyme auf das Vorkommen einer wirklich endemischen Bodenmikroflora schliessen (PEISSEL et al. 1995).

Eine Entscheidung für oder gegen das natürliche Vorkommen von Bakterien unter den hier herrschenden Extrembedingungen war schwierig. Die Untersuchung der "Airspora", d.h. der aus der Luft einfallenden Mikroorganismen hatte nämlich gezeigt, dass diese auch menschlicher Herkunft sein konnten. Daher sollte versucht werden, 60 Bakterienisolate aus vermutlich anthropogen unterschiedlich kontaminierten Bodenproben genauer zu bestimmen. Es sollte herausgefunden werden, ob diese mit bereits bekannten Bakterien identisch oder nahe verwandt waren, oder ob es möglicherweise neue Taxa, also eventuell endemische Formen sein konnten.

Methoden. Die Zellmorphologie junger Kulturen wurde auf mit Agar präparierten Objektträgern und mit Phasenkontrast-Mikroskopie untersucht (LABRENZ, 1999). Die Kolonieform wurde nach 1-30 Tagen Kultur auf Agar bei 20 °C bestimmt. Wachstum bei < 4 ° und bei 43 °C war schon von PEISSEL (1994) getestet worden. Für die phylogenetischen Untersuchungen wurde die 16S rDNA total oder partial sequenziert (LABRENZ, 1999). Doppelsträngige Sequenzdaten wurden mit Hilfe des Programms Sequence Navigator (PE-Applied Biosystems) erhalten. Partialsequenzen enthielten wenn möglich die 80 – 100 bp umfassende V1-Region innerhalb der ersten 300 bp der 16S rDNA, die als repräsentativster Bereich dieses Gens bekannt ist (MOORE, 1999). Die phylogenetisch nächsten Verwandten und der entsprechende S_{AB} -Wert als Mass für deren evolutionäre Distanz wurden mittels der 16S rDNA-Sequenz in der Ribosomalen Datenbank (MAIDAK et al., 1997) ermittelt. Die p-Distanz als Prozentwert der verglichenen Sequenzen wurde mit dem Programm PAUP berechnet. Die Umkehr dieses Wertes lieferte die paarweise prozentuale Ähnlichkeit der Sequenzen (LABRENZ, 1999).

Empirisch wird angenommen, dass bei einer Sequenzähnlichkeit von $< 97.5\%$ zwei Stämme nicht einer gemeinsamen Art angehören können. Andererseits müssen bei einer Sequenzähnlichkeit von $> 97.5\%$ zwei Stämme nicht unbedingt der gleichen Art angehören. Eine Identifizierung eines Stammes mit einer bekannten Art wurde jedoch als ausreichend angesehen, wenn der S_{AB} -Wert der gesamten Sequenz ≥ 0.930 war und die p-Ähnlichkeit $\geq 99.1\%$ betrug. Bei Partialsequenzen wurden vorläufig ein S_{AB} -Wert von 0.910 und eine p-Ähnlichkeit von $\geq 98.5\%$ als ausreichend angesehen. Auch mussten die Zellmorphologie, die Kolonieform und das temperaturabhängige Wachstum bei $< 4^\circ\text{C}$ und bei 43°C mit den Literaturangaben für die entsprechenden Taxa übereinstimmen.

Ergebnisse und Diskussion. Die 60 Bakterienisolate kamen aus Bodenproben mit vermutlich unterschiedlich anthropogener Kontamination. 50 Stämme (83%) waren Gram-positiv; neun von den 10 Gram-negativen Stämmen kamen aus den vermutlich stärker kontaminierten Böden. Im Gegensatz dazu waren Sporenbildner hauptsächlich aus den nicht oder kaum kontaminierten Böden isoliert worden (Ice Plateau, Unnamed Lake, Watts Hut). Aus dem ornithogenen Boden (Adelie Rookey) kamen sechs Sporenbildner.

Das Wachstum der 60 Isolate bei extremen Temperaturen zeigt Tabelle 1. Die Mehrzahl der Isolate aus stärker anthropogen kontaminierten Böden (Donga Line, Kitchen Outlet, Old Heli Pad) wuchs noch bei $< 4^\circ\text{C}$. Andererseits konnte, im Gegensatz zu neun Stämmen aus den pristine Böden, keines der 20 Isolate aus den kontaminierten Böden bei 43°C wachsen. Wenn auch diese Beobachtungen statistisch noch abgesichert werden müssen, so lässt sich doch vermuten, dass Isolate aus unberührten Böden temperaturtoleranter sind.

In Tabelle 1 sind die phylogenetische Einordnung und die dazu hier verwendeten Daten aufgelistet. Von den 60 untersuchten Stämmen konnten 19 eindeutig, und zwei weitere mit grosser Wahrscheinlichkeit als bekannte Taxa identifiziert werden. Auffällig war, daß die 21 so identifizierten Stämme aus den vermutlich wenig oder nicht anthropogen kontaminierten Bodenproben stammten, während bei den stark kontaminierten Proben insgesamt nur vier Isolate bereits bekannten Taxa zugeordnet werden konnten.

Es kann bei sieben Isolatzen aus den kontaminierten Proben aufgrund besonders niedriger p-Ähnlichkeit sogar auf neue Gattungen (auf Seite 22-24 in Tab.1 als G bezeichnet) geschlossen werden.

Tabelle 1: Phylogenetische Einordnung der 60 Bodenisolat aus den Vestfold Hills (68°35' S/77°58' E). Identifizierte Taxa (s. Methoden) sind fett gedruckt. Z¹, Zellmorphologie entspricht den Literaturangaben. K², Koloniform entspricht den Literaturangaben. B³, nach Literaturangaben sind Stämme dieser Gattung oder Art aus Boden isoliert worden. G⁴, neue Gattung. (+)⁵, Hohe 16S rDNA Ähnlichkeit mit einem nicht ausreichend beschriebenen Organismus. Sequenz und Bestimmung unsicher. NB⁷, nicht bestimmt.

VH-	Nächste phylogenetische Verwandtschaft	S _{AB} ⁻	p-Ähnlich- Wert	Sequenz- keit (%)	Wachstum länge (bp)	Wachstum < 4 °C	Z ¹ , K ² , B ³ bei 43 °C	Identifi- zierung
DONGA LINE (890/97)								
11	<i>Bacillus clausii</i> DSM 8716	0.963	99.2	1282	-	-	Z, B	- G ⁴
12	<i>Xanthomonas theicola</i> LMG 8684 ^T	0.765	94.6	815	+	-	-	+
27	<i>Dietzia maris</i> str. IMV 195	0.979	99.9	777	-	-	Z, K, B	G
28	<i>Chryseobacterium balustinum</i> IFO 15053	0.705	94.2	1431	+	-	-	G
43	<i>Xanthomonas campestris</i> LMG 568	0.748	94.9	1448	-	-	-	G
59	<i>Microbacterium testaceum</i> DSM 20166 ^T	0.904	97.9	1436	+	-	- B	- G
60	<i>Arthrobacter pascens</i> DSM 20545 ^T	0.808	94.4	637	+	-	-	G
75	<i>Dietzia maris</i> str. IMV 195	0.959	99.3	451	+	-	Z, K, B	+
KITCHEN OUTLET (890/96)								
14	<i>Psychrobacter immobilis</i>	0.817	96.0	1450	+	-	-B	-
29	<i>Psychrobacter immobilis</i>	0.820	96.6	1444	+	-	-B	- G
45	<i>Xanthomonas codiae</i> LMG 8678 ^T	0.769	95.0	1458	-	-	-	-
61	<i>Nocardioides jensenii</i> DSM 20641 ^T	0.895	98.3	802	+	-	-B	- G
62	<i>Caulobacter</i> sp. str. MCS24 ⁶	0.880	93.4	91	+	-	-	G
78	<i>Microbacterium testaceum</i> DSM 20166 ^T	0.826	94.2	249	+	-	-	G
OLD HELI PAD (912/96)								
21	<i>Agrococcus jenensis</i> DSM 9580	0.907	98.4	1426	+	-	-B	-
22	<i>Rhodococcus fascians</i>	0.942	98.1	478	+	-	-B	-
37	<i>Dietzia maris</i> str. IMV 195	0.854	96.1	459	+	-	-B	(+) ⁵
53	<i>Rhodococcus</i> GH557	0.962	99.5	385	+	-	NB ⁷ , B	-
69	<i>Sphingomonas</i> sp. str. UNIF1	0.887	98.1	424	+	-	-B	-
70	(<i>Clavibacter</i> ?) env. PAD6	0.883	95.6	1407	+	-	-B	-

Tabelle 1: Fortsetzung

VH-	Nächste phylogenetische Verwandtschaft	S _{AB} ⁻ Wert	p-Ähnlich- keit (%)	Sequenz- länge (bp)	Wachstum < 4 °C	Wachstum bei 43 °C	Z ¹ , K ² , B ³	Identifi- zierung
WATTS HUT (890/92)								
9	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.937	99.3	1438	-	+	Z, K, B	+
10	<i>Bacillus licheniformis</i> DSM 13	0.980	100	508	-	+	Z, K, B	+
25	<i>Bacillus macroides</i> NCDO 1661	0.890	97.8	328	+	-	-, B	-
41	<i>Bacillus globisporus</i> DSM4	0.978	100	324	+	-	Z, K, B	+
57	<i>Bacillus pseudomegaterium</i> ATCC 49866	0.896	98.2	817	-	+	-, B	-
58	<i>Bacillus psychrophilus</i> IAM 12468	0.820	95.6	1468	-	-	-, B	-
73	<i>Arthrobacter oxidans</i> DSM 20119 ^T	0.970	99.5	447	-	+	Z, K, B	+
74	<i>Burkholderia</i> sp. str. CRE7	0.976	99.3	1443	-	-	NB, B	(+)
ICE PLATEAU (890/71)								
4	<i>Yersinia enterocolitica</i> ER-26036-92	0.885	95.9	734	-	-	-	-
19	<i>Bacillus macroides</i> NCDO 1661	0.961	99.7	1458	+	+	Z, K, B	+
20	<i>Brachybacillus conglomeratum</i> NCIMB 9859	0.938	99.1	1326	-	-	Z, K	+
35	<i>Rhodococcus</i> GH557	0.915	98.5	801	-	-	NB, B	(+)
36	<i>Rhodococcus</i> GH557	0.936	99.1	1300	+	-	NB, B	(+)
52	<i>Arthrobacter oxidans</i> DSM 20119 ^T	0.936	98.7	772	+	+	Z, K, B	+
67	(<i>Brevibacterium</i> ?) str. GH443	0.872	96.5	484	-	-	-	-
68	<i>Arthrobacter oxidans</i> DSM 20119 ^T	0.932	98.5	1431	+	-	-, B	-
ICE PLATEAU (912/98)								
15	<i>Bacillus macroides</i> NCDO 1661	0.956	98.8	511	-	-	Z, K, B	+
31	<i>Bacillus macroides</i> NCDO 1661	0.954	99.6	882	+	+	Z, K, B	+
32	<i>Arthrobacter globiformis</i> DSM 20124 ^T	0.924	97.5	791	+	-	-, B	-
47	<i>Bacillus insolius</i> DSM5	0.830	98.4	725	+	-	-, B	-
48	<i>Staphylococcus saprophyticus</i> ATCC 15305	0.935	98.8	637	-	-	Z	-
63	<i>Clavibacter michiganensis</i> DSM 46364	0.842	95.4	1426	-	-	-	-
64	<i>Nocardioideis</i> sp. NCFB 3005	0.919	98.4	445	+	-	-, B	-
79b	<i>Aeromicrobium fastidiosum</i> DSM 10552 ^T	0.946	98.9	1412	NB	NB	-, B	-

Tabelle 1: Fortsetzung

VH-	Nächste phylogenetische Verwandtschaft	S _{AB} - Wert	p-Ähnlich- keit (%)	Sequenz- länge (bp)	Wachstum < 4 °C	Wachstum bei 43 °C	Z ¹ , K ² , B ³	Identifi- zierung
UNNAMED LAKE (912/88)								
8	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.941	99.6	661	-	+	Z, K, B	+
23	<i>Bacillus megaterium</i> IAM 13418 ^T	0.943	99.7	1456	+	+	Z, K, B	+
24	<i>Bacillus megaterium</i> IAM 13418 ^T	0.935	99.6	507	+	-	Z, K, B	+
40	<i>Brevibacterium linens</i> NCDO 739 ^T	0.952	99.0	1348	+	-	-	-
55	<i>Brevibacterium linens</i> NCDO 739 ^T	0.868	98.1	471	-	-	-	-
56a	<i>Bacillus pseudomegaterium</i> ATCC 49866	0.852	97.3	1432	-	-	B	-
56b	<i>Bacillus pseudomegaterium</i> ATCC 49866	0.832	97.8	1402	-	-	B	-
71	<i>Agrococcus jenensis</i> DSM 9580	0.854	95.3	1289	+	-	B	-
72	<i>Arthrobacter agilis</i> DSM 20550 ^T	0.904	97.5	1410	+	-	B	-
ADELIE ROOKERY (890/61)								
2	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.948	99.6	1411	-	-	K, B	-
17	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.917	99.2	505	-	+	Z, K, B	+
18	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.943	99.4	874	+	+	Z, K, B	+
49	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.964	99.7	1460	-	+	Z, K, B	+
50	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.956	99.6	1460	-	+	Z, K, B	+
65	<i>Bacillus pumilus</i> ATCC 15716	0.930	99.3	1455	-	+	Z, K, B	+
66	<i>Rhodococcus fascians</i>	0.902	97.4	474	-	+	B	-

Eine Ausnahme bildeten die sieben Isolate aus der ornithogenen Bodenprobe "Adelie Rookery (890/61). Fünf von ihnen wurden als *Bacillus pumilus* identifiziert, ein sechster Stamm dürfte ebenfalls diesem Taxon angehören, auch wenn die Zellmorphologie von den Literaturdaten etwas abwich. Es fällt auf, dass die phylogenetische Diversität in dieser Probe sehr gering war, soweit man bei der geringen Anzahl untersuchter Stämme hierüber eine Aussage machen kann. Möglicherweise bewirkten die extremen Bedingungen dieses ornithogenen Bodens (hoher C-, N- und Nitratgehalt [Tabelle 2], höhere Temperaturen, PEISSL, 1994) eine starke Selektion zugunsten von *Bacillus pumilus*.

Die phylogenetische Diversität der Isolate aus den drei am stärksten kontaminierten Bodenproben (Donga Line, Kitchen Outlet, Old Heli Pad) war dagegen unvermutet hoch; sie lässt sich vielleicht durch ein besonders vielseitiges und verstärktes Nährstoffangebot in diesen Proben erklären. Bei den wenig oder nicht anthropogen kontaminierten Bodenproben überwogen unter den Isolaten dagegen besonders *Bacillus* und *Arthrobacter* Arten. Bakterien dieser Gattungen können durch Dauerformen (Sporen, Microcysten) ungünstige Bedingungen überdauern. *Arthrobacter*-Arten sind oft oligotroph, d.h. sie leben mit geringen Nährstoff-Konzentrationen. PEISSL (1994) hatte die acht Bodenproben auf ihre Nährstoff-Konzentrationen untersucht und bei den drei als "besonders kontaminiert" bezeichneten Proben ein hohes C/N- Verhältnis sowie besonders viel Nitrat gefunden (Tabelle 2). Entsprechend waren hier auch die Zellzahlen nicht nur hoch, sondern die höchsten Lebendzellzahlen entsprachen weitgehend auch den Gesamt-zellzahlen. Dieser hohe Nährstoffge-

halt bei extremen antarktischen Bedingungen könnte zum vorübergehenden Aufbau individuen- und artenreicher, aber "ende-mischer" Gesellschaften geführt haben. Dies würde auch das häufige Vorkommen von nicht identifizierbaren Taxa unter den Isolaten dieser Böden erklären; sie sind in Tabelle 1 mit "G" (neue Gattungen) bezeichnet. Unter den eingebrachten, anthropogenen Kontaminanten könnten sich auch an die lokalen Bedingungen angepasste Formen befunden haben. Um es zusammenzufassen: die anthropogenen, physikalisch-chemischen Verschmutzungen dürften die kultivierbare antarktische Bodenmikroflora "belebt" und zu einer Zunahme der phylogenetischen Diversität geführt haben (LABRENZ, 1999). Ob die phylogenetisch "neuen" Bakterien endemisch sind, kann jedoch noch nicht entschieden werden.

Es ist denkbar, dass für manche der identifizierten Kontaminanten auch ein besonderes Verhältnis zum Menschen nachgewiesen werden kann. Doch Untersuchungen über ihre Pathogenität konnten noch nicht durchgeführt werden. Aus der Literatur ist ersichtlich, dass z.B. *Bacillus licheniformis* aus verschmutztem Meerwasser isoliert wurde, *B. pumilus* soll Infektionen verursachen, und *Rhodococcus* Arten wurden als Pathogene in Tuberkulose-ähnlichen Lungenkrankheiten gefunden. Stämme von *Yersinia enterocolitica* verursachen Durchfall-Erkrankungen und *Staphylococcus saprophyticus* wurde für Infektionen der Harnwege verantwortlich gemacht. Ob solch potentiell pathogene Mikroorganismen vom Menschen direkt oder über die Luft mittels der Airspora in die Antarktis gelangten, kann nicht entschieden werden. KAPPEN & STRAKA (1988) konnten schon den Transport von Pollen und Sporen in die Antarktis nachweisen.

Tabelle 2: Kohlenstoffgehalt, Stickstoffgehalt und Nitratkonzentration der acht Bodenproben
Die Angaben beziehen sich auf trockenen Boden (PEISSL, 1994).

Standort	Proben-Nr.	C-Gehalt (mg.g ⁻¹)	N-Gehalt (mg.g ⁻¹)	C/N Verhält- nis	NO ₃ ⁻ (mg.L ⁻¹) *
Donga Line	890/97	6.81	0.58	11.74	10.07
Kitchen Outlet	890/96	1.57	0.11	14.30	2.08
Old Heli Pad	912/96	7.54	0.68	11.09	6.79
Watts Hut	890/92	1.58	0 ¹	NA ²	1.67
Ice Plateau	890/71	1.68	0.17	9.88	0.19
Ice Plateau	912/98	1.63	0.13	12.53	0.20
Unnamed Lake	912/88	0.78	0 ¹	NA ²	0.11
Adelie Rookery	890/61	46.17	26.38	1.75	119.06

*Ein Bodenextrakt wurde wie folgt hergestellt: 25 g Boden (trocken) wurden gesiebt (2 mmØ), mit 100 ml 0.01 M CaCl₂ für 1 h geschüttelt und sodann durch ein Faltenfilter gegeben, wobei die ersten 10 ml verworfen wurden.

¹ Werte konnten nicht erfasst werden.

² Nicht analysierbar.

Zusammenfassung. Sechzig Bakterienisolate aus unterschiedlich kontaminierten Böden der Vestfold Hills (Ostantarktis) wurden mittels der 16S rDNA Sequenz-analyse in das phylogenetische System eingeordnet und z. T. identifiziert.

In besonders kontaminierten Böden waren die Bakterien-Diversität und der Anteil neuer Gattungen höher als in unberührten Böden.

Literatur

BÖLTER, M., Vergleichende Untersuchungen zur mikrobiellen Aktivität in Böden und an Kryptogamen aus der kontinentalen und maritimen Antarktis, Habil.schrift Univ. Kiel, 41-66, 1992

BOYD, W.L. and BOYD, J.W., Viability of coliform bacteria in Antarctic soils, J. Bacteriol. 85, 1121-1123, 1963

DAWID, W., GALLIKOWSKI, C.A. and HIRSCH, P., Psychrophilic myxobacteria from Antarctic soils, Polarforschung, 58, 271-278, 1988

GALLIKOWSKI, C.A. and HIRSCH, P., Preliminary characterization and identification of 1984/85 continental antarctic soil microorganisms of Linnaeus Terrace (alt. 1600 m), McMurdo Dry Valleys, Polarforschung 58, 93-101, 1988

HIRSCH, P. and PEISSL, K., Zur bakteriellen Kontamination antarktischer Böden in den Vestfold Hills, Ostantarktis, Mitt. z. Kieler Polarforsch. 9, 19-20, 1994

HIRSCH, P., LUDWIG, W., HETHKE, C., SITTIG, M., HOFFMANN, B., GALLIKOWSKI, C.A., *Hymenobacter roseosaliarius* gen. nov., sp. nov. from antarctic soils and sandstone: bacteria of the *Cytophaga/Flavobacterium/Bacteroides* line of phylogenetic descent, Syst. Appl. Microbiol. 21, 374-383, 1998

HOROWITZ, N.H., CAMERON, R.E. and HUBBART, J.S., Microbiology of the Dry Valleys of Antarctica, Science 176, 242-245, 1972

KAPPEN, I. and STRAKA, H., Pollen and spore transport into the Antarctic, Polar Biol. 8, 173-180, 1988

LABRENZ, M., Charakterisierung ausgesuchter antarktischer Bakterien: ökologische Ansprüche von Stämmen aus einem hypersalinen See und Versuche zur Identifizierung po-

tentiell anthropogener Boden-isolate, Diss. Univ. Kiel, 180 pp, 1999

LINE, M.A., Microbial flora of some soils of Mawson Base and the Vestfold Hills, Antarctica, Polar Biol. 8, 421-427, 1988

MAIDAK, B.L., OLSEN, G.J., LARSEN, N., OVERBEEK, R., McCAUGHEY, M.J. and WOESE, C.R., The RDP (Ribosomal Database Project), Nucleic Acid Res. 25, 109-111, 1997

MEVS, U., STACKEBRANDT, E., SCHUMANN, P., GALLIKOWSKI, C.A. and HIRSCH, P., *Modestobacter multiseptatus* gen. nov., sp. nov., a budding actinomycete from soils of the Asgard Range (Transantarctic Mountains), Intern. J. Syst. Evol. Microbiol. 50, in print, 2000

MOORE, E.R.B., Implications of partial sequences of 16S rRNA and rRNA genes for bacterial phylogeny and applications in environmental analyses, in: BIOSpectrum Abstracts, VAAM Tagung Göttingen, p.36, Academ. Verlag, Heidelberg, 1999

PEISSL, K., Untersuchungen zur mikrobiellen Kontamination antarktischer Böden, Diss. Univ. Kiel, 159 pp, 1994

PEISSL, K., HIRSCH, P. and BURTON, H.R., Untersuchungen zur Ökologie von Bodenmikroorganismen in den Vestfold Hills (Ostantarktis), Mitt. z. Kieler Polarforsch. 11, 17, 1995

SIEBERT, J. and HIRSCH, P., Characterization of 15 selected coccal bacteria isolated from Antarctic rock and soil samples from the McMurdo Dry Valleys (South Victoria Land), Polar Biol. 9, 37-44, 1988

Matthias Labrenz
Institut für Allgemeine Mikrobiologie
Am Botanischen Garten 1-9
24118 Kiel
Germany